



# BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND



## Bescheinigung

Die Boehringer Ingelheim International GmbH in  
55216 Ingelheim hat eine Patentanmeldung unter der  
Bezeichnung

"Verfahren zur Herstellung und Reinigung von  
alpha-Interferon"

am 3. September 1993 beim Deutschen Patentamt eingereicht.

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patentamt vorläufig die Symbole C 12 N 15/70 und C 07 K 7/10 der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 15. März 1994

Der Präsident des Deutschen Patentamts

Im Auftrag

Aktenzeichen: P 43 29 756.0

Lissner

**Case 12/157**

**Dr. Ma/Kn**

**Boehringer Ingelheim International GmbH**  
**55216 Ingelheim am Rhein**

**Verfahren zur Herstellung und Reinigung  
von alpha-Interferon**

Die Erfindung betrifft ein Herstellungsverfahren für Interferon- $\alpha$  (IFN $\alpha$ ) durch bakterielle Expression und anschließende Isolierung, einen Expressionsvektor dafür sowie ein Verfahren zur Reinigung von IFN $\alpha$ .

Verfahren zur Herstellung von IFN $\alpha$  durch bakterielle Expression sind bekannt. Das übliche  
 5 Verfahren beruht auf der cytoplasmatischen Expression des Proteins in *Escherichia coli*, bei dem das exprimierte IFN $\alpha$  entweder in unlöslicher Form in sogenannten Einschußkörpern in der Zelle vorliegt oder in der löslichen Fraktion nach dem Aufschließen der Zellwand gefunden wird (Thatcher *et al.* Panayotatos, 1986; Goeddel *et al.*, 1980; Dworkin-Rastl *et al.*, 1983). Die cytoplasmatische Expression weist allerdings Nachteile auf. Das synthetisierte  
 10 Protein ist nicht korrekt gefaltet, und weil im Zytoplasma reduzierende Bedingungen herrschen, enthält es nicht die erforderlichen Disulfidbrücken. Das gebildete IFN $\alpha$  muß daher bei der Präparation oxidiert und umgefaltet werden. Dieser Prozeß ist ineffizient und führt zu unerwünschten Nebenprodukten (ganz- oder teilreduzierte Formen, Oligomere durch intermolekulare Disulfidbrückenbildung, fehlgefaltete Formen durch Ausbildung falscher  
 15 Disulfidbrücken), die schwierig abzutrennen sind. Ein weiteres Problem ist, daß das N-terminale Methionin, mit dem die Translation beginnt, vom intrazellulär synthetisierten IFN $\alpha$  nur unvollständig abgespalten wird. Das daraus resultierende N-Met-IFN $\alpha$  kann vom nativen IFN $\alpha$  praktisch nicht abgetrennt werden.

Ein weiterer Nachteil gegenwärtig benutzter Verfahren ist die Verwendung von Promoto-  
 20 ren, die in nicht-induziertem Zustand nicht vollständig abgeschaltet sind, die durch Zugabe von Chemikalien induziert werden müssen, und deren Expressionsrate im induzierten Zustand nicht befriedigend ist, wie z.B. der *trp*-Promotor aus *Serratia marcescens*.

Um einige der genannten Nachteile zu überwinden und trotzdem das ökonomische *E.-coli*-System zu nutzen, versuchten Breitling *et al.* (Breitling *et al.*, 1989) IFN $\alpha$ 1 und ein IFN $\alpha$   
 25 1/2-Hybrid mit einem Vektor zu exprimieren, der die Sekretion des Interferons durch die Zellmembran in den periplasmatischen Raum ermöglichte. Sie verwendeten dabei Promotor, Ribosomenbindungsstelle (RBS) und Signalsequenz eines bakteriellen Staphylokinasegens (*sak42D*). 60-80% des so hergestellten IFN $\alpha$  wurden in den periplasmatischen Raum sezerniert. Das Protein enthielt allerdings, bedingt durch das Vektorkonstrukt, zusätzliche  
 30 N-terminale Aminosäuren, die im entsprechenden nativen IFN $\alpha$  nicht vorkommen. Als gravierender Nachteil dieses Expressionssystems erwies sich indes die Tatsache, daß die mit diesem Konstrukt transformierten Stämme genetisch nicht stabil blieben; die Expressionskassette wurde durch die spontane Insertion eines IS1-Elements deaktiviert. Die Aufgabe, ein Expressions/Sekretionssystem in *E. coli* für die Herstellung von humanem IFN $\alpha$  bereitzustellen, war im Stand der Technik also ungelöst.  
 35

Als eine Expressions/Sekretions-Kassette, die im Falle der Expression des menschlichen Wachstumsfaktor-Rezeptors in *E. coli* zum Erfolg geführt hatte, war ein Konstrukt aus dem Promotor der alkalischen Phosphatase (*phoA*) und der Signalsequenz des hitzestabilen Entertoxins II (STII) bekannt (Fuh *et al.*, 1990).

- 5 Ein weiteres Problem bei der Herstellung von rekombinantem IFN $\alpha$  in *E. coli* ist die Reinigung des Proteins aus dem Bakterienlysat. Hier sind eine Reihe von Verfahren bekannt (Thatcher *et Panayotatos*, 1986; EP-A 203 382). Um die native Faltung des Proteins zu erhalten, sind dabei Verfahren vorzuziehen, die ohne Denaturierungs- und Fällungsschritte auskommen. Ein solches Verfahren wird in der EP-S 396 555 beschrieben. Es besteht aus
- 10 den Schritten Immunoaffinitätschromatographie, Reversed-Phase-Chromatographie (RPC), Kationenaustauschchromatographie, Konzentrierung durch Ultrafiltration und Gelfiltrationschromatographie. Dieses Verfahren beruht wie andere bekannte Verfahren auf der hohen Selektivität der Immunoaffinitätschromatographie im ersten Schritt. Es ist kein Verfahren zur Herstellung von hochgereinigtem IFN $\alpha$ , insbesondere IFN $\alpha$ 2, bekannt, das ohne
- 15 Denaturierungs-/Fällungsschritte und ohne Immunoaffinitätschromatographie auskommt. Gleichzeitig ist ein solches Verfahren aus ökonomischen und technischen Gründen wünschenswert. Wegen der für die Immunoaffinitätschromatographie notwendigen monoklonalen Antikörper sind ihre Kosten hoch, gleichzeitig ist, da die Lebensdauer der antikörpergekoppelten Matrices endlich ist, eine kontinuierliche Versorgung mit diesen Antikörpern notwendig.
- 20

Aufgabe der Erfindung ist die Bereitstellung eines wirtschaftlicheren und leistungsfähigeren Verfahrens zur Herstellung von Interferon- $\alpha$ , insbesondere Interferon- $\alpha$ 2, durch rekombinante Expression in *E. coli*. Dabei mußte das Problem gelöst werden, ein effizientes und stabiles System zur Expression/Sekretion des Proteins in den periplasmatischen Raum oder

25 das Kulturmedium zu etablieren. Ferner war ein Verfahren zu entwickeln, das exprimiertes Protein schonend ohne Denaturierungs-/Fällungsschritte und ohne die Notwendigkeit der Immunoaffinitätschromatographie hochreinigen kann.

Diese Aufgabe konnte mit der vorliegenden Erfindung gelöst werden. Die Etablierung eines stabilen Expressions/Sekretionssystems für IFN $\alpha$  in *E. coli* gelang durch die Konstruktion

30 eines Vektors, der die Signalsequenz (Leadersequenz) des hitzestabilen Enterotoxins II (STII) aus *E. coli* verknüpft mit der kodierenden Sequenz für ein reifes menschliches Interferon- $\alpha$ , vorzugsweise Interferon- $\alpha$ 2, enthält. Bevorzugt erfolgt die Expressionskontrolle mittels des Promotors der alkalischen Phosphatase aus *E. coli* (*phoA*). Als vorteilhaft erwies sich ferner die Integration der Ribosomenbindungsstelle des STII-Gens. Ein weiterer

35 überraschender Fortschritt konnte durch die Bereitstellung eines Reinigungsverfahrens für Interferon- $\alpha$ , das aus den Schritten Adsorptionschromatographie auf Silicagel, hydrophobe

Interaktionschromatographie (HIC), Kationenaustauschchromatographie und Anionenaustauschchromatographie besteht, erreicht werden.

Ein Aspekt der Erfindung betrifft somit ein Verfahren der Herstellung von IFN $\alpha$  durch bakterielle Expression, bei dem transformierte Bakterienzellen verwendet werden, die einen Expressionsvektor enthalten, in dem die STII-Signalsequenz mit einem IFN $\alpha$ -Gen verknüpft ist, und durch Isolierung des exprimierten IFN $\alpha$ . Ein weiterer Aspekt betrifft einen bakteriellen Expressionsvektor für die Herstellung von IFN $\alpha$ , der ein Konstrukt aus der Signalsequenz des STII-Gens und einem IFN $\alpha$ -Gen enthält, sowie die Verwendung eines solchen Vektors zur Herstellung von IFN $\alpha$ . Ein dritter Aspekt betrifft ein Verfahren zur Reinigung von IFN $\alpha$  durch die chromatographischen Schritte Adsorptionschromatographie auf Silicagel, hydrophobe Interaktionschromatographie, Kationen- sowie Anionenaustauschchromatographie.

Als Ausgangspunkt für die Konstruktion des Vektors kann ein in *E. coli* replikationsfähiges Plasmid dienen, beispielsweise eignet sich das Plasmid pAT153 (Twigg *et al.*, 1980) sehr gut für diesen Zweck. Eine Nukleotidsequenz, die für das Signalpeptid des STII-Gens kodiert, ist Stand der Technik (Picken *et al.*, 1983; Lee *et al.*, 1983). Der Fachmann ist in der Lage, durch Mutationen (Substitution, Deletion, Insertion, Addition) Varianten dieser Sequenz herzustellen, ohne ihre Grundeigenschaften zu verändern, und insbesondere solche Nukleotidsequenzen herzustellen, die wegen der Degeneration des genetischen Codes für die gleiche Aminosäuresequenz des Signalpeptids kodieren (Sambrook *et al.*, 1989, bes. Kapitel 15). Eine ganze Reihe von Sequenzen, die für Mitglieder der IFN $\alpha$ -Familie kodieren, ist bekannt (Mantei *et al.*, 1980; Streuli *et al.*, 1980; Goeddel *et al.*, 1981); die Homologie der sie kodierenden Gene beträgt mehr als 70 %. Weitere Varianten dieser Sequenzen können in der Natur gefunden werden oder mit Methoden aus dem Stand der Technik, z. B. durch Mutagenese, aus den bekannten Sequenzen hergestellt werden (Sambrook *et al.*, 1989, bes. Kapitel 15). Der Begriff "IFN $\alpha$ " im Sinne der Erfindung schließt demzufolge neben den bekannten Sequenzen auch solche Varianten ein, deren Gene durch hohe Homologie zu den bekannten Sequenzen gekennzeichnet sind und die für biologisch aktives IFN $\alpha$  kodieren. Besonders bevorzugt ist dabei die Sequenz, die für IFN $\alpha$ 2c kodiert (Dworkin-Rastl *et al.*, 1983; Bodo *et al.*, 1985). Besonders bevorzugt ist ferner die Verwendung des *phoA*-Promotors zur Kontrolle der Expression und darüber hinaus vorteilhaft die Integration der Ribosomenbindungsstelle des STII-Gens. Die Sequenz des *phoA*-Promotors (Chang *et al.*, 1986; Shuttleworth *et al.*, 1981) sowie der STII-Ribosomenbindungsstelle (Picken *et al.*, 1983; Lee *et al.*, 1983) sind bekannt; auch aus diesen Sequenzen kann der Fachmann ohne weiteres äquivalente Varianten herstellen. Konstruktion des Vektors, Transformation geeigneter *E. coli*-Stämme, Fermentation sowie Extraktion können nach an sich bekannten Methoden erfolgen (Sambrook *et al.*, 1989). Für die Expression ist beispielsweise der *E. coli*-Stamm W3110 (*E. coli* K12 Wildtyp f<sup>-</sup>,  $\lambda^-$ , IN (rrnD-rrnE)1) gut

geeignet. Die Vorkultur kann gut in LB-Medium, die Hauptkultur unter Kontrolle von Sauerstoff- und Nährstoffzufuhr bis zu einer  $OD_{546}$  von 250 bis 280 erfolgen. Als gut geeignet erwies sich ein Extraktionsverfahren, bei dem säureinaktivierte Biomasse in verdünnter Essigsäure mit Hilfe eines Homogenisators suspendiert, mit Polyethylenimin, bevorzugt in  
 5 einer Konzentration von 0.25% (w/v) versetzt, auf alkalischen pH, vorzugsweise pH 10, eingestellt, gerührt und anschließend durch Zentrifugation die Bakterien abgetrennt wurden. Die Reinigung kann nach an sich bekannten Verfahren erfolgen (Thatcher *et al.* Panayotatos, 1986; EP-A 203 382). Besonders vorteilhaft ist jedoch ein Reinigungsverfahren mit vier chromatographischen Schritten, und zwar Adsorptionschromatographie auf Silicagel,  
 10 hydrophobe Interaktionschromatographie, Kationen- und Anionenaustauschchromatographie. Als Gelbett der Silicachromatographie erwies sich das vom Typ 953W der Firma Grace gut geeignet, als Elutionsmittel war ein Puffer, der 500 - 1500 mM Tetramethylammoniumchlorid (TMAC), bevorzugt 800 mM TMAC, vorteilhaft verwendbar. Für die hydrophobe Interaktionschromatographie erwies sich eine Phenylsepharose als gut zu verwendendes Gelbett. Der Probenaufrag erfolgte vorzugsweise in Anwesenheit von 20% Ammoniumsulfat, die Säule war mit einem Puffer, der 30% Ammoniumsulfat enthielt, equilibriert worden. Das IFN $\alpha$  wurde mit einem linearen Gradienten mit einer Endkonzentration von 30% Ethylenglykol eluiert. Die Kationenaustauschchromatographie konnte sehr gut mit einem Sulfopropyl-Ionenaustauscherharz ausgeführt werden. Der Probenaufrag erfolgte bei  
 20 einem pH-Wert von 3-5, vorzugsweise pH 3, die Säule war auf pH 5 equilibriert. IFN $\alpha$  konnte erfolgreich mit einem linearen Kochsalzgradienten mit einem Zusatz von 10% Ethylenglykol eluiert werden. Als Gelbett für die Anionenaustauschchromatographie war DEAE-Sephadex sehr vorteilhaft zu verwenden, Aufrag und Elution erfolgten bei pH 5.5 - 6.0, vorzugsweise bei pH 5.8. Zur Elution war ein linearer Kochsalzgradient mit einem Zusatz von 0.1% Tween 20 gut geeignet. Es gehört zu den technischen Möglichkeiten des Fachmanns, ohne erfinderische Tätigkeit jeweils eines oder mehrere Gelmaterialien durch gleichwertige zu ersetzen, die auf den gleichen Trennprinzipien basieren, und auf diese Weise das erfindungsgemäße Verfahren äquivalent auszuführen.

Überraschenderweise konnte mit der Verknüpfung der STII-Signalsequenz mit dem IFN $\alpha$ -  
 30 Gen ein stabiles Expressions/Sekretionssystem etabliert werden, was mit der vorbeschriebenen *sak42D*-Leader /IFN $\alpha$ -Kombination nicht gelungen war. Als besonders erfolgreich erwies sich die Expression dieser Sequenz unter der Kontrolle des *phoA*-Promotors. Die Integration der Ribosomenbindungsstelle des STII-Gens erwies sich in diesem Zusammenhang als zusätzlich vorteilhaft. Die Expression kann über die Kontrolle der Phosphatkonzentration im Medium (Phosphatmangel aktiviert den *phoA*-Promotor) zuverlässig gesteuert werden;  
 35 im inaktivierten Zustand gibt es keine nachweisbare Basalexpression. Zusätzliche Chemikalien brauchen zur Aktivierung nicht zugegeben zu werden, die Expressionsrate im aktivierten Zustand ist hoch. Das synthetisierte Protein wird in hohen Anteilen in den peri-

plasmatischen Raum sezerniert. Das sezernierte Protein ist korrekt gefaltet, enthält den authentischen N-Terminus und die richtigen Disulfidbrücken. Die SDS-Gelanalyse der Expression in *E. coli* W3110 zeigte, daß 30-50% des synthetisierten IFN $\alpha$ 2c korrekt prozessiert waren, dies entspricht praktisch dem kompletten Anteil des sezernierten Proteins.

- 5 Mit dem in Beispiel 3 beschriebenen Extraktionsverfahren konnten  $29.3 \pm 5.9\%$  des insgesamt in der Biomasse nachweisbaren IFN $\alpha$ 2c extrahiert werden. Dies entsprach dem beobachteten Prozessierungsgrad von 30-50%. Der Extrakt aus der Biomasse enthielt  $4.5 \pm 1.8\%$  IFN $\alpha$ 2c, bezogen auf Gesamtprotein. Die Silica-Adsorptionschromatographie führte zu einem IFN $\alpha$ 2c-Pool mit einer durchschnittlichen Reinheit von  $16.7 \pm 4.4\%$ . Die Phenyl-  
 10 Sepharose-Chromatographie mit einer Ausbeute von  $93.2 \pm 7.3\%$  ergab ein IFN $\alpha$ 2c mit einer Reinheit von  $71.2 \pm 15.5\%$ . Die Sulfopropyl-Ionenaustauschchromatographie erbrachte eine Ausbeute von  $70.9 \pm 14.8\%$  und eine Reinheit von  $97.6 \pm 4.6\%$ . Der letzte Schritt, die DEAE-Ionenaustauschchromatographie, führte bei einer Ausbeute von  $86.9 \pm 9.2\%$  zu 100% reinem IFN $\alpha$ 2c, wie unten charakterisiert. Die Daten aus 6 verschiedenen  
 15 Reinigungen sind in den Tabellen 1 (Ausbeuten) und 2 (IFN $\alpha$ 2c-Gehalt) zusammengefaßt. Fig. 3 zeigt charakteristische Chromatogramme von jedem Reinigungsschritt.

- Aus 1 kg Biomasse wurden  $340 \pm 100$  mg gereinigtes IFN $\alpha$ 2c erhalten. Die Ausbeute des Reinigungsprozesses ist  $56.1 \pm 22.2\%$ . Die Gesamtausbeute, bezogen auf den IFN $\alpha$ 2c-Gehalt der Biomasse ist 14.4%. Diese Daten sind in Tabelle 3 zusammengefaßt. Fig. 4 zeigt eine typische SDS-PAGE von gereinigtem IFN $\alpha$ 2c, eluiert beim letzten chromatographischen Schritt. Die 18-kDa-Bande von IFN $\alpha$ 2c ist die einzige sichtbare Bande. Kontaminierende Banden werden nicht beobachtet. Fig. 5A zeigt ein typisches Reversed-Phase-HPLC-Chromatogramm. Das gereinigte IFN $\alpha$ 2c eluiert als homogener Peak bei 24.8 Minuten. Wurde dieses Material mit einem flachen Acetonitrilgradienten eluiert (Fig. 5B), wurden 2  
 20 Kontaminationspeaks an beiden Seiten des Hauptpeaks beobachtet. Diese Schultern, die etwa 1.8% des Gesamt-IFN $\alpha$ 2c-Gehaltes enthalten, repräsentieren Formen, die am Methionin 111 oxidiert (erste Schulter) oder am N-Terminus acetyliert (zweite Schulter) sind.

**Tabelle 1:** Ausbeuten verschiedener Reinigungsschritte in Prozent IFN $\alpha$ 2, die nach dem jeweiligen Reinigungsschritt erhalten wurden, dargestellt für 6 verschiedene Reinigungsprozeduren (p1-p6) aus 6 verschiedenen Biomassen. Die letzten beiden Spalten enthalten den Mittelwert (M) und die Standardabweichung (sd)

	p1	p2	p3	p4	p5	p6	M	sd
Extrakt	37.9	24.0	34.3	30.7	29.1	20.0	29.3	5.9
Silica	62.0	95.8	88.2	99.5	74.1	81.0	83.4	12.8
Phenyl	100.0	82.2	85.9	100.0	100.0	91.0	93.2	7.3
Sulfopro	64.0	54.3	76.5	100.0	60.0	71.0	70.9	14.8
DEAE	95.0	100.0	83.5	88.2	84.0	71.0	86.9	9.2

5

**Tabelle 2:** IFN $\alpha$ 2-Gehalt verschiedener Reinigungsschritte. Die Daten sind als Prozentsatz des IFN $\alpha$ 2-Gehalts, bezogen auf den Gesamtproteingehalt, der bei diesem Reinigungsschritt erhalten wurde, so dargestellt wie in Tabelle 1.

	p1	p2	p3	p4	p5	p6	M	sd
Extrakt	8.0	2.1	4.1	4.7	3.6	4.4	4.5	1.8
Silica	12.9	11.6	15.7	15.7	19.4	15.6	16.7	4.4
Phenyl	76.6	43.3	62.9	62.9	80.0	93.5	71.2	15.5
Sulfopro	98.5	87.3	100.0	100.0	100.0	100.0	97.6	4.6
DEAE	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	0.0

10



**Tabelle 3:** Gesamtausbeuten des Reinigungsverfahrens. Der IFN $\alpha$ 2c-Gehalt der Biomasse ist als g IFN $\alpha$ 2/kg Biomasse dargestellt. Prozessierung und Extraktion sind als Prozentsatz des Gesamtgehalts an IFN $\alpha$ 2 ausgedrückt. Die Ausbeute der Reinigung ist dargestellt als Prozentsatz von IFN $\alpha$ 2c relativ zum IFN $\alpha$ 2-Gehalt des Extrakts. Die Gesamtausbeute ist in mg IFN $\alpha$ 2, erhalten pro kg Biomasse, und als Prozentsatz von gereinigtem IFN $\alpha$ 2c, bezogen auf den IFN $\alpha$ 2c-Gehalt des Extrakts, ausgedrückt.

	p1	p2	p3	p4	p5	p6	M	sd
Biomasse [g/kg]	1.4	1.0	1.1	1.5	1.1	1.8	1.3	0.2
Prozessierung [%]	50	40	40	40	20	40	38.3	8.9
Extraktion [%]	37.9	24.0	34.3	30.7	29.1	20.0	29.3	4.7
Reinigung [%]	39.7	42.7	57.9	90	44.5	52.3	56.1	22.2
Gesamtausbeute [mg]	538	206	366	480	280	258	340	120
Gesamtausbeute [%]	14.3	20.3	16.6	23.9	10.9	7.4	14.4	6.9

## Abbildungen

**Fig. 1:** A) Genkarte von pCF2. Das *EcoRI*-*Bam*HI-Fragment von pAT153 wurde durch die Expressionskassette für IFN- $\omega$ 1 ersetzt.

B) Sequenz des *EcoRI*(zerstört)-*Bam*HI-Teils, der den *phoA*-Promotor, STII-Leader + IFN $\omega$ 1-Gen enthält.

**Fig. 2:** A) Genkarte des Plasmids pDH13. Das *Ssp*I-*Pst*I-Fragment von pAT153 wurde durch die IFN $\alpha$ 2c-Expressionskassette (*EcoRI*-*Pst*I-Fragment von 2B)) ersetzt. Das  $\beta$ -Lactamase-Gen ist zerstört.

B) Nukleotidsequenz des *EcoRI*-*Hind*III-Inserts von pDH13.

**Fig. 3:** Chromatographische Reinigung von IFN- $\alpha$ 2c, extrahiert aus Biomasse.

A) Adsorptionschromatographie auf Silicagel. Der Pfeil zeigt die Elution mit 800 mM Tetramethylammoniumchlorid an.

B) Hydrophobe Interaktionschromatographie auf Phenylsepharose. Die Elution wurde mit einem linearen Gradienten von 0 bis 100% Lösungsmittel B wie angezeigt (----) durchgeführt.

C) Sulfopropyl-Kationenaustauschchromatographie. Die Elution wurde mit einem Gradienten von 0 bis 100% Lösungsmittel B wie angezeigt (----) ausgeführt.

D) Anionenaustauschchromatographie auf DEAE-Sephrose. Die Elution wurde mit einem Gradienten von 0 bis 100% Lösungsmittel B wie angezeigt (----) durchgeführt.

Die Balken unter den Hauptpeaks in jedem Chromatogramm zeigen die IFN $\alpha$ 2c-haltigen Pools an, die gesammelt und für die folgenden Schritte verwendet wurden.

**Fig. 4:** SDS-PAGE von gereinigtem IFN $\alpha$ 2c, gefärbt mit Coomassie Blue. Die Zahlen am linken Rand zeigen die Molekulargewichte der Standardproteine an.

Spur 1: IFN $\alpha$ 2c-Standard

Spur 2: 3  $\mu$ g IFN $\alpha$ 2c

Spur 3: 6  $\mu$ g IFN $\alpha$ 2c

Spur M: Molekulargewichtsstandard

**Fig. 5:** Charakterisierung von gereinigtem IFN $\alpha$ 2c durch Reversed Phase HPLC.

A) Elution von IFN $\alpha$ 2c mit einem linearen Gradienten von 20-68% Lösungsmittel B in 24 Minuten.

B) Elution von IFN $\alpha$ 2c mit einem linearen Gradienten von 45-53% Lösungsmittel B in 30 Minuten.

## Beispiele

### Beispiel 1: Herstellung des Expressionsvektors pDH13 sowie damit transformierter Zellen

#### Allgemeine Methoden

- 5 Restriktionsverdau von DNA mit Restriktionsendonukleasen, Auffüllreaktionen, Phenolextraktion und Fällung von DNA, Agarose-Gelelektrophorese und Elution von DNA aus Agarosegelen, Ligation von DNA-Molekülen, Transformation von Bakterien und Plasmidisolierung aus Bakterien sind Standardverfahren und wurden durchgeführt wie von Sambrook *et al.* (1989) beschrieben.

#### 10 Plasmide

pCF2                      pCF2 wurde aus dem Plasmid pAT153 (Twigg *et al.*, 1980) hergestellt. Es enthält den Promotor der alkalischen Phosphatase aus *E. coli* (*phoA*, Chang *et al.*, 1986; Schuttleworth *et al.*, 1986), die kodierende Region des STII-Leaderpeptids (Picken *et al.*, 1983; Lee *et al.*, 1983) sowie das Gen für menschliches IFN $\omega$ 1 (Hauptmann *et al.*, 1985). Fig.1 zeigt die Genkarte von pCF2 sowie die Sequenz des relevanten Abschnitts.

pER21/1                  pER 21/1 ist ein bakterieller Expressionsvektor für IFN $\alpha$ 2c (Dworkin-Rastl *et al.*, 1983)

#### Oligomukleotide (5' $\rightarrow$ 3'):

EBI-2787:                CGTCTTCAAGAATTCGAGATTATCG

EBI-2799:                GGCAGATCACATGCATAGGCATTTGTAGCAATAG

EBI-2798:                ATGCCTATGCATGTGATCTGCCTCAAACCCACAGC

EBI-2797:                GACTTCAGAAGCTTCTGCAGTTACGATCGTTATCATTCTTAC  
TTCTTAAACTTTC

*Herstellung der Expressionskassette aus phoA-Promotor, IFN $\alpha$ 2c-Sequenz und STII-Leadersequenz in einer Zweischnitt-PCR*

pER21/1-DNA wurde mit *Hind*III linearisiert, pCF2-DNA mit *Pvu*I. Die im folgenden verwendete Methode ist als SOE-PCR beschrieben ("splicing by overlap extension", Ho *et al.*, 1989).

**PCR 1a (Amplifikation des IFN- $\alpha$ 2c-Gens):** 100 ng linearisierter pER21/1-DNA, 25 pmol EBI-2797 und 25 pmol EBI-2798 wurden in 50  $\mu$ l Puffer, der 50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.01% Gelatine, 0.2 mM ATP, 0.2 mM dGTP, 0.2 mM dCTP, 0.2 mM dTTP und 1.25 Einheiten *Taq*-Polymerase enthielt, in einem Perkin Elmer Cetus Thermocycler TC-1 Thermozyklen unterworfen. Nach 3 min Inkubation bei 94°C wurden 10 Stufenzyklen (Stufe 1: 40 sec bei 94°C, Stufe 2: 30 sec bei 55°C, Stufe 3: 90 sec bei 72°C) ausgeführt.

**PCR 1b (Amplifikation von phoA-Promotor plus STII-Leadersequenz):** 100 ng linearisierter pCF2-DNA, 25 pmol EBI-2787 und 25 pmol EBI 2799 wurden im gleichen Puffer und unter gleichen Bedingungen wie unter PCR 1a beschrieben Thermozyklen unterworfen.

Die resultierenden DNA-Fragmente von PCR 1a (540bp) und PCR 1b (374 bp) wurden gelgereinigt (1.2% low gelling type Agarose in TBE-Puffer, 1 x TBE: 10.8 g Tris/l, 5.5 g Borsäure/l, 0.93 g EDTA/l). Das Agarosestückchen, das das jeweilige DNA-Fragment enthielt, wurde ausgeschnitten und die Agarose geschmolzen, indem 100  $\mu$ l H<sub>2</sub>O zugegeben und auf 70°C erhitzt wurde.

**PCR 2:** 5  $\mu$ l von jeder Agarose/DNA-Lösung wurden vereinigt und in 100  $\mu$ l Lösung, die jeweils 50 pmol von EBI-2787 und EBI-2797 enthielt, Thermozyklen unterworfen. Der Puffer war der gleiche wie unter PCR 1a beschrieben. Das Thermozyklusgerät wurde so programmiert, daß an eine Verzögerungszeit von 5 min bei 94°C 20 Stufenzyklen (Stufe 1: 40 sec bei 94°C, Stufe 2: 30 sec bei 55°C, Stufe 3: 5 min bei 72°C; Stufe 3 wurde bei jedem neuen Zyklus um 5 Sekunden verlängert) angeschlossen wurden. Nach der Amplifikation wurde die DNA durch Phenol/Chloroform-Extraktion und Ethanol-Präzipitation gereinigt. Das PCR-Produkt wurde aufgelöst und mit *Hind*III und *Eco*RI in den entsprechenden Puffern geschnitten.

*Klonierung des PCR-Produktes (pDH9)*

Bluescribe M13<sup>+</sup> (Stratagene, San Diego, CA, USA) wurde mit *Hind*III und *Eco*RI doppelt geschnitten und das große Fragment wurde mit einem 1.2%igen Agarosegel gelgereinigt. 10 ng Bluescribe M13<sup>+</sup> DNA und 50 ng mit *Eco*RI/*Hind* III geschnittenes PCR-Produkt wurden in 10  $\mu$ l Lösung, die 50 mM Tris-HCl, pH 7.6, 10 mM MgCl<sub>2</sub>, 20 mM Dithio-

threitol, 1 mM ATP, 50 µg/ml Rinderserumalbumin (BSA) und 2 Einheiten T4-DNA-Ligase (NEN) enthielt, 1 Stunde bei 0°C und 3 Stunden bei Raumtemperatur ligiert. 8 µl dieser Lösung wurden für die Transformation kompetenter *E. coli*-Zellen vom Stamm JM 101 (*E. coli* K12, *SupE*, *thi*,  $\Delta(lac-proAB)$ , [*F'*, *traD36*, *proAB*, *lacIZAM15*]) verwendet.

- 5 Ein Klon wurde ausgewählt, die DNA isoliert und die Expressionskassette sequenziert. Die Sequenz entsprach genau der theoretisch erwarteten Sequenz (Fig. 2). Das Plasmid wurde als pDH9 bezeichnet.

### *Konstruktion des Expressionsplasmids pDH13*

- 10 pAT153 wurde mit *SspI* und *PstI* doppelt geschnitten und das große Fragment wurde isoliert. pDH9 wurde mit *EcoRI* geschnitten und die Enden aufgefüllt unter Verwendung des Klenowfragments der DNA-Polymerase I und der 4 dNTPs. Nach Phenolextraktion und Fällung der linearen pDH9-DNA wurde diese DNA mit *PstI* geschnitten und das Fragment, das den *phoA*-Promotor, die STII- Leadersequenz und das IFN $\alpha$ 2c-Gen enthielt, aus einem  
15 1%igen Agarosegel isoliert.

- 10 ng pAT153 x *SspI* x *PstI* und 30 ng des Fragments, das die Expressionskassette enthielt, wurden in 10 µl Lösung für 5 Stunden bei Raumtemperatur ligiert. 5 µl von diesem Ansatz wurden verwendet, um kompetente *E. coli*-Bakterien des Stammes HB101 zu transformieren. Die Selektion der transformierten Bakterien wurde auf LB-Agarplatten (10 g  
20 Trypton/l, 5 g Hefeextrakt/l, 5 g NaCl/l, 15 g Bacto-Agar/l) durchgeführt, die 10 µg/ml Tetracyclin enthielten. Eine Genkarte von pDH13 und die Sequenz der relevanten Region ist in Fig. 2 dargestellt.

- Plasmid-DNA verschiedener so erhaltener Kolonien wurde isoliert und durch Restriktionsanalyse auf korrekte Zusammensetzung überprüft. Ein Plasmid wurde ausgewählt und als  
25 pDH13 bezeichnet. Das Plasmid pDH13 wurde zur Transformation von *E. coli* W3110 (*E. coli* K12 Wildtyp, *f'*,  $\lambda^-$ , IN (*rrnD-rrnE*)1) verwendet.

### **Beispiel 2: Fermentation**

#### *Vorkultur*

- 30 700 ml autoklaviertes LB-Medium (10 g Bacto-Trypton/l, 5 g Bacto-Hefeextrakt/l, 10 g NaCl/l, pH 7.0), das 5 mg/l Tetracyclin enthielt, wurden in einem 2l-Glasgefäß aus einer Stockkultur so beimpft, daß eine OD<sub>546</sub> von 0.01 erhalten wurde. Die Kultur wurde 10 Stunden bei 37°C unter starkem Rühren (800 U/min) und Belüftung (5 Fermentervolumina pro Minute [vvm]) inkubiert.

*Hauptkultur*

## Mediumzusammensetzung

im Fermenter:

1.21 g/l	$(\text{NH}_4)_2\text{HPO}_4$
3.96 g/l	$(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$
6.53 g/l	$\text{K}_2\text{HPO}_4$
1.23 g/l	$\text{MgSO}_4 \times 7 \text{ H}_2\text{O}$
0.32 g/l	$\text{NaCl}$
0.25 g/l	$\text{NH}_4\text{Cl}$
1.0 g/l	$\text{Na}_3\text{-Citrat} \times 2 \text{ H}_2\text{O}$
1.0 ml/l	Spurenelementekonzentrat
12.5 g/l	Glucose
20 mg/l	Thiamin-HCl
50 mg/l	L-Tryptophan
100 mg/l	L-Leucin
50 mg/l	L-Methionin
5 mg/l	Tetracyclin

Spurenelementekonzentrat:

(Mengenangaben pro 100 ml)

3.35 g	$\text{FeCl}_3 \times 6 \text{ H}_2\text{O}$
1.09 g	$\text{ZnSO}_4 \times 7 \text{ H}_2\text{O}$
0.267 g	$\text{CoCl}_2 \times 6 \text{ H}_2\text{O}$
0.267 g	$\text{Na}_2\text{MoO}_4 \times 2 \text{ H}_2\text{O}$
0.221 g	$\text{CuSO}_4 \times 5 \text{ H}_2\text{O}$
0.333 g	$\text{H}_3\text{BO}_3$
1.37 g	$\text{MnSO}_4 \times \text{H}_2\text{O}$
10 ml	HCl conc.
	$\text{H}_2\text{O ad 100 ml}$

Fütterung während der Fermentation:

5 (Mengen bezogen auf Fermentervolumen)

350 g/l	Glucose
3.70 g/l	$\text{MgSO}_4 \times 7 \text{ H}_2\text{O}$
175 mg/l	Thiamin-HCl
0.50 g/l	L-Tryptophan
4.0 g/l	L-Leucin
2.0 g/l	L-Methionin

Zudosierung von Antischaummittel während der Fermentation:

(bezogen auf Fermentervolumen)

1.0 ml/l	UCON LB625
----------	------------

10

Salze ( $(\text{NH}_4)_2\text{PO}_4$ ,  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ ,  $\text{K}_2\text{HPO}_4$ , NaCl,  $\text{NH}_4\text{Cl}$  und Na-Citrat) wurden in einem Fermenter sterilisiert. Spurenelemente,  $\text{MgSO}_4$ , Glucose, Thiamin, L-Tryptophan, L-Leucin, L-Methionin und Tetracyclin wurden nach Abkühlung aseptisch so zugegeben, daß ein Startvolumen von 7 Litern erhalten wurde. 600 ml der Vorkultur wurden automatisch in

den Fermenter überimpft. Die Fermentationsbedingungen waren: Rühren bei 1000 U/min, Belüftung von 1 vvm, 0.3 bar Überdruck, eine Temperatur von  $37.0 \pm 0.1^\circ\text{C}$ , der pH wurde auf  $6.7 \pm 0.1$  mit  $\text{NH}_3$  und  $\text{H}_2\text{SO}_4$  gehalten. Die Konzentration an gelöstem Sauerstoff wurde durch Belüftung mit sauerstoffangereicherter Luft nach Bedarf oberhalb von 15% Luftsättigung (bei 0.3 bar Gegendruck Überdruck gehalten. Nach Verbrauch der anfänglich vorhandenen Glucose wurde eine Fütterungsprozedur gestartet, die durch die Sauerstoffkonzentration automatisch ausgelöst wurde und Glucose, Thiamin,  $\text{MgSO}_4$ , L-Tryptophan, L-Leucin und L-Methionin enthielt. Die Fütterungsgeschwindigkeit begann mit 2.5 g/l\*h Glucose und wurde innerhalb von 24 Stunden kontinuierlich auf 5.0 g/l\*h gesteigert und anschließend bis zum Ende des Fermentationsprozesses konstant gehalten.

Die Fermentation wurde beendet, nachdem eine Gesamtmenge von 350 g/l Glucose zugegeben worden war. Zu diesem Zeitpunkt war eine typische optische Dichte von 250 bis 280 bei 546 nm erreicht.

Zur Inaktivierung der Biomasse wurde der Ansatz auf etwa  $10^\circ\text{C}$  gekühlt und gleichzeitig der pH-Wert mit  $\text{H}_2\text{SO}_4$  auf 2.0 eingestellt. Die Biomasse wurde durch Zentrifugation abgetrennt und bei  $-70^\circ\text{C}$  gefroren aufbewahrt.

### Beispiel 3: Extraktion

Säureinaktivierte Biomasse (etwa 0.5 kg) wurde in 500 ml 1%iger Essigsäure mit Hilfe eines Polytron-Homogenisators suspendiert und 1 Stunde bei  $0^\circ\text{C}$  gerührt. Polyethylenimin (50%ige Stammlösung, Serva, Heidelberg) wurde bis zu einer Endkonzentration von 0.25% (w/v) zugegeben. Die Suspension wurde mit 5 N NaOH auf einen pH von 10.0 eingestellt und weitere 2 Stunden bei  $0^\circ\text{C}$  gerührt. Nach Einstellung des pH-Wertes auf 7.5 mit 5 N HCl wurden die Bakterien durch Zentrifugation bei  $17000 \times g$  (Beckmann J2-21 Zentrifuge) abgetrennt. Die durchschnittliche Extraktionsausbeute betrug  $29.3 \pm 5.9\%$  des Gesamtgehaltes an IFN $\alpha$ 2c.



## Beispiel 4: Chromatographische Reinigung

### *Adsorptionschromatographie auf Silicagel*

Der IFN $\alpha$ -haltige Überstand nach der Abtrennung des Bakterienpellets in Beispiel 3 wurde auf eine Silicagel-Säule geladen (Grace, Silica Typ 953W; 35 mg Protein/ml Säulenmaterial, Flußgeschwindigkeit 25 ml/min), die mit 20 mM Tris-HCl, pH 7.5, equilibriert worden war. Die Säule wurde mit 30 Säulenvolumina Startpuffer gewaschen, dann folgte ein Waschschriff mit 20 mM Tris-HCl, 100 mM Tetramethylammoniumchlorid (TMAC), pH 7.5. IFN $\alpha$ 2c konnte durch Steigerung der TMAC-Konzentration auf 800 mM TMAC eluiert werden (Fig. 3A).

### *Hydrophobe Interaktionschromatographie*

Das Material, das von der Silicagelsäule eluiert wurde, wurde durch Zugabe von festem (NH $_4$ ) $_2$ SO $_4$  auf eine Ammoniumsulfatkonzentration von 20% (w/u) eingestellt und auf eine Phenylsepharosesäule (Phenyl Toyopearl, 650S, Tosohaas) geladen, die mit 20 mM Tris-HCl, 30% Ammoniumsulfat equilibriert worden war. IFN $\alpha$ 2c wurde mit einem linearen Gradienten von 100% Ladebedingungen bis 100% 20mM Tris-HCl, 30% Ethylenglykol, pH 7.5, bei einer Flußgeschwindigkeit von 15 ml/min eluiert. Die Reinheit des IFN $\alpha$ -Pools betrug 71  $\pm$  15% .

### *Kationenaustauschchromatographie*

Das Eluat der hydrophoben Interaktionschromatographie wurde durch extensive Dialyse auf 20 mM Na-Succinat, pH 5.0, eingestellt. Der endgültige pH wurde mit HCl auf 3.0 eingestellt, bevor die Probe auf ein Sulfopropyl-Ionenaustauscherharz (Toyopearl TSK SP 5PW, Tosohaas), equilibriert mit 20 mM Na-Succinat, pH 5.0, geladen wurde. IFN $\alpha$ 2c wurde mit einem linearen Gradienten von 100% Ladebedingungen bis 100% 20 mM Na-Succinat, 500 mM NaCl, 10% Ethylenglykol, pH 5.5 (Lösungsmittel B) mit einer Flußgeschwindigkeit von 6 ml/min von der Säule eluiert. Das von dieser Säule eluierte IFN $\alpha$ 2c hatte routinemäßig eine größere Reinheit als 95%.

### *Anionenaustauschchromatographie*

Der IFN $\alpha$ -Pool wurde gegen 10 mM bisTris, pH 5.8, dialysiert und auf eine DEAE-Sepharose (DEAE-Sepharose FastFlow, Pharmacia) geladen, die mit dem gleichen Puffer equilibriert war. Die Elution von IFN $\alpha$ 2c erfolgte mit einem linearen Gradienten auf 10 mM

bisTris, 500 mM NaCl, 0.1% Tween 20, pH 5.8 (Lösungsmittel B), Fließgeschwindigkeit 5 ml/min.

## 5 Beispiel 5: Analyse der IFN $\alpha$ 2c-Präparationen

### *Reversed-Phase-HPLC*

Intaktes IFN $\alpha$ 2c wurde mit einer BakerBond -WP- C18-Säule [250 x 4.5 mm, Partikelgröße 5  $\mu$ m] bei 30°C analysiert. Für die Trennung von tryptischen Peptiden wurde eine Merck Supersphere 120-4 C-18-Säule [125 x 4.5 mm, Partikelgröße 4  $\mu$ m] bei 37°C verwendet. Die Proben wurden unter Verwendung der Lösungsmittel A, 0.1% Trifluoressigsäure in Wasser, und B, 0.1% Trifluoressigsäure in Acetonitril und mit den Gradienten wie in der jeweiligen Abbildungslegende beschrieben chromatographiert.

### *SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese*

IFN $\alpha$ 2c-Proben wurden auf 16%-SDS-Polyacrylamid-Gelen unter Standardbedingungen analysiert. Proben wurden vor der Elektrophorese mit Dithiotreitol reduziert. Proteinbanden wurden mit Coomassie-Blue-Färbung visualisiert.

### *Quantifizierung von IFN $\alpha$ 2c durch ELISA*

Der IFN $\alpha$ 2c-Gehalt verschiedener Proben, die während der Reinigung anfielen, wurde mit einem Sandwich-ELISA mit den monoklonalen Antikörpern OMG-2 und MG-7 (Adolf *et al.*, 1990) bestimmt.

## Literatur

- Adolf, G.R., *Virology* **175**, 410-417 (1990)
- Bodo, G. & Maurer-Fogy, I., in: *The Biology of the Interferon System 1985* (Hrsg.: Stewart, W.E., II & Schellekens, H.), S. 59-64, Elsevier Scientific Publishing Co., Amsterdam  
 5 (1985)
- Breitling R., Gerlach D., Hartmann M., Behnke D., *Mol. Gen. Genet.* **217**, 384-391 (1989)
- Chang C.N., Kuang W.-J. and E.Y. Chen, *Gene* **44**, 121-125 (1986)
- Dworkin-Rastl E., Swetly P., Dworkin M.B., *Gene* **21**, 237-248 (1983)
- Fuh G., Mulkerrin M.G., Bass S., McFarland M., Brochier M., Bourell J.H., Light D.R.,  
 10 Wells J.A., *J. Biol. Chem.* **265**, 3111-3115 (1990)
- Goeddel D.V., Yelverton E., Ullrich A., Heynecker H.L., Miozarri G., Holmes W., Seeburg P.H., Dull T., May L., Stebbing N., Crea R., Maeda S., McCandliss R., Sloma A., Tabor J.M., Gross M., Familletti P.C., Pestka S., *Nature* **287**, 411-416 (1980)
- Goeddel D.V., Leung D.W., Dull T.J., Gross M., Lawn R.M., McCandliss R., Seeburg  
 15 P.H., Ullrich A., Yelverton E., Gray P., *Nature* **290**, 20-26 (1981)
- Hauptmann R. and P. Swetly, *Nucl. Acids Res.* **13**, 4739-4749 (1985)
- Ho S.N., Hunt S.N., Horton R.M., Pullen J.K. and L.R. Pease, *Gene* **77**, 51-59 (1989)
- Lee C.H., Mosely S.L., Moon H.W., Whipp S.C., Gyles C.L. and M. So, *Infection and Immunity* **42**, 264-268 (1983)
- 20 Mantei N., Schwarzstein M., Streuli M., Panem S., Nagata S., Weissmann C., *Gene* **10**, 1-10 (1980)
- Picken R.N., Mazaitis A.J., Maas W.K., Rey M. and H. Heyneker, *Infection and Immunity* **42**, 269-275 (1983)
- Sambrook J., Fritsch E.F., Maniatis T., "Molecular cloning - a laboratory manual", Cold  
 25 Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor (1989)
- Shuttleworth M., Taylor J. and N. Minton, *Nucl. Acids Res.* **14**, 8689 (1986)
- Streuli M., Nagata S., Weissmann C., *Science* **209**, 1343-1347 (1980)
- Thatcher D.R., Panayotatos N., *Methods Enzymol.* **119**, 166-177 (1986)
- Twigg A.J. and D. Sherratt, *Nature* **283**, 216-218 (1980)

## Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Interferon- $\alpha$  durch Expression in *E. coli*, dadurch gekennzeichnet, daß
  - a) Interferon- $\alpha$  exprimiert wird in Zellen, die einen Vektor enthalten, in dem die Signalsequenz des Gens für das hitzestabile Enterotoxin II (STII) aus *E. coli* verknüpft ist mit einer Sequenz, die für reifes menschliches Interferon- $\alpha$  kodiert
  - b) das exprimierte Interferon- $\alpha$  isoliert wird.
2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß der Vektor zusätzlich einen Promotor für die alkalische Phosphatase (*phoA*) aus *E. coli* enthält.
3. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 2, dadurch gekennzeichnet, daß der Vektor zusätzlich die Sequenz für die Ribosomenbindungsstelle des STII-Gens enthält.
4. Verfahren nach Anspruch 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, daß die Isolierung des Interferons die Schritte
  - a) Adsorptionschromatographie auf Silicagel
  - b) Hydrophobe Interaktions-Chromatographie
  - c) Kationenaustauschchromatographie
  - d) Anionenaustauschchromatographieenthält.
5. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß die hydrophobe Interaktionschromatographie auf einer Phenylsepharose-Säule durchgeführt wird.
6. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß die Kationenaustauschchromatographie auf einem Sulfopropyl-Ionenaustauscher durchgeführt wird.
7. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß die Anionenaustauschchromatographie auf einer DEAE-Sepharose durchgeführt wird.

8. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß das Interferon- $\alpha$  Interferon- $\alpha 2$  ist.
9. Verfahren nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß das Interferon- $\alpha 2$  die Aminosäuresequenz

5 Cys Asp Leu Pro Gln Thr His Ser Leu Gly Ser Arg Arg Thr  
 Leu Met Leu Leu Ala Gln Met Arg Arg Ile Ser Leu Phe Ser  
 Cys Leu Lys Asp Arg Arg Asp Phe Gly Phe Pro Gln Glu Glu  
 Phe Gly Asn Gln Phe Gln Lys Ala Glu Thr Ile Pro Val Leu  
 His Glu Met Ile Gln Gln Ile Phe Asn Leu Phe Ser Thr Lys  
 10 Asp Ser Ser Ala Ala Trp Asp Glu Thr Leu Leu Asp Lys Phe  
 Tyr Thr Glu Leu Tyr Gln Gln Leu Asn Asp Leu Glu Ala Cys  
 Val Ile Gln Gly Val Gly Val Thr Glu Thr Pro Leu Met Lys  
 Glu Asp Ser Ile Leu Ala Val Arg Lys Tyr Phe Gln Arg Ile  
 Thr Leu Tyr Leu Lys Glu Lys Lys Tyr Ser Pro Cys Ala Trp  
 15 Glu Val Val Arg Ala Glu Ile Met Arg Ser Phe Ser Leu Ser  
 Thr Asn Leu Gln Glu Ser Leu Arg Ser Lys Glu

enthält.

10. Verfahren zur Reinigung von Interferon- $\alpha$ , dadurch gekennzeichnet, daß es die Schritte

- 20
- a) Adsorptionschromatographie auf Silicagel
  - b) Hydrophobe Interaktions-Chromatographie
  - c) Kationenaustauschchromatographie
  - d) Anionenaustauschchromatographie

enthält.

- 25
11. Verfahren nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, daß die hydrophobe Interaktionschromatographie auf einer Phenylsepharose-Säule durchgeführt wird.
  12. Verfahren nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, daß die Kationenaustauschchromatographie auf einem Sulfopropyl-Ionenaustauscher durchgeführt wird.

13. Verfahren nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, daß die Anionenaustauschchromatographie auf einer DEAE-Sepharose durchgeführt wird.
14. Verfahren nach Ansprüchen 10 bis 13, dadurch gekennzeichnet, daß das Interferon- $\alpha$  bakteriell exprimiert wurde.
- 5 15. Verfahren nach den Ansprüchen 10 bis 14, dadurch gekennzeichnet, daß das Interferon- $\alpha$  Interferon- $\alpha$ 2 ist.

16. Verfahren nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, daß das Interferon- $\alpha$ 2 die Aminosäuresequenz

10 Cys Asp Leu Pro Gln Thr His Ser Leu Gly Ser Arg Arg Thr  
 Leu Met Leu Leu Ala Gln Met Arg Arg Ile Ser Leu Phe Ser  
 Cys Leu Lys Asp Arg Arg Asp Phe Gly Phe Pro Gln Glu Glu  
 Phe Gly Asn Gln Phe Gln Lys Ala Glu Thr Ile Pro Val Leu  
 His Glu Met Ile Gln Gln Ile Phe Asn Leu Phe Ser Thr Lys  
 Asp Ser Ser Ala Ala Trp Asp Glu Thr Leu Leu Asp Lys Phe  
 15 Tyr Thr Glu Leu Tyr Gln Gln Leu Asn Asp Leu Glu Ala Cys  
 Val Ile Gln Gly Val Gly Val Thr Glu Thr Pro Leu Met Lys  
 Glu Asp Ser Ile Leu Ala Val Arg Lys Tyr Phe Gln Arg Ile  
 Thr Leu Tyr Leu Lys Glu Lys Lys Tyr Ser Pro Cys Ala Trp  
 20 Glu Val Val Arg Ala Glu Ile Met Arg Ser Phe Ser Leu Ser  
 Thr Asn Leu Gln Glu Ser Leu Arg Ser Lys Glu

enthält.

17. Vektor zur Expression von Interferon- $\alpha$  in *E. coli*, dadurch gekennzeichnet, daß er die Signalsequenz des STII-Gens in Verknüpfung mit einer Sequenz enthält, die für reifes menschliches Interferon- $\alpha$  kodiert.
- 25 18. Vektor nach Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß er zusätzlich einen *phoA*-Promotor enthält.
19. Vektor nach den Ansprüchen 17 bis 18, dadurch gekennzeichnet, daß er zusätzlich die Ribosomenbindungsstelle des STII-Gens enthält.

20. Vektor nach den Ansprüchen 17 bis 19, dadurch gekennzeichnet, daß das Interferon- $\alpha$  Interferon- $\alpha 2$  ist.
21. Vektor nach den Ansprüchen 17 bis 19, dadurch gekennzeichnet, daß er die Nukleotidsequenz

```

5   TGT GAT CTG CCT CAA ACC CAC AGC CTG GGT AGC AGG AGG ACC
    TTG ATG CTC CTG GCA CAG ATG AGG AGA ATC TCT CTT TTC TCC
    TGC TTG AAG GAC AGA CGT GAC TTT GGA TTT CCC CAG GAG GAG
    TTT GGC AAC CAG TTC CAA AAG GCT GAA ACC ATC CCT GTC CTC
    CAT GAG ATG ATC CAG CAG ATC TTC AAT CTC TTC AGC ACA AAG
10  GAC TCA TCT GCT GCT TGG GAT GAG ACC CTC CTA GAC AAA TTC
    TAC ACT GAA CTC TAC CAG CAG CTG AAT GAC CTG GAA GCC TGT
    GTG ATA CAG GGG GTG GGG GTG ACA GAG ACT CCC CTG ATG AAG
    GAG GAC TCC ATT CTG GCT GTG AGG AAA TAC TTC CAA AGA ATC
    ACT CTC TAT CTG AAA GAG AAG AAA TAC AGC CCT TGT GCC TGG
15  GAG GTT GTC AGA GCA GAA ATC ATG AGA TCT TTT TCT TTG TCA
    ACA AAC TTG CAA GAA AGT TTA AGA AGT AAG GAA

```

oder eine Sequenz, die zu dieser Sequenz zu mehr als 70 % homolog ist und für Interferon- $\alpha$  kodiert, enthält.

22. Vektor nach Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß er die Nukleotidsequenz

```

20  GAATTCGAGATTATCGTCACTGCAATGCTTCGCAATATGGCGCAAAATGACCAACAG
    CGGTTGATTGATCAGGTAGAGGGGGCGCTGTACGAGGTAAAGCCCGATGCCAGCATT
    CCTGACGACGATACGGAGCTGCTGCGCGATTACGTAAAGAAGTTATTGAAGCATCCT
    CGTCAGTAAAAAGTTAATCTTTTCAACAGCTGTCATAAAGTTGTCACGGCCGAGACT
    TATAGTCGCTTTTGTGTTTTATTTTTTAATGTATTTGCTCGAGAGGTTGAGGTGATTTT
25  ATG AAA AAG AAT ATC GCA TTT CTT CTT GCA TCT ATG TTC GTT
    TTT TCT ATT GCT ACA AAT GCC TAT GCA TGT GAT CTG CCT CAA
    ACC CAC AGC CTG GGT AGC AGG AGG ACC TTG ATG CTC CTG GCA
    CAG ATG AGG AGA ATC TCT CTT TTC TCC TGC TTG AAG GAC AGA
    CGT GAC TTT GGA TTT CCC CAG GAG GAG TTT GGC AAC CAG TTC
30  CAA AAG GCT GAA ACC ATC CCT GTC CTC CAT GAG ATG ATC CAG
    CAG ATC TTC AAT CTC TTC AGC ACA AAG GAC TCA TCT GCT GCT
    TGG GAT GAG ACC CTC CTA GAC AAA TTC TAC ACT GAA CTC TAC
    CAG CAG CTG AAT GAC CTG GAA GCC TGT GTG ATA CAG GGG GTG

```

5 GGG GTG ACA GAG ACT CCC CTG ATG AAG GAG GAC TCC ATT CTG  
GCT GTG AGG AAA TAC TTC CAA AGA ATC ACT CTC TAT CTG AAA  
GAG AAG AAA TAC AGC CCT TGT GCC TGG GAG GTT GTC AGA GCA  
GAA ATC ATG AGA TCT TTT TCT TTG TCA ACA AAC TTG CAA GAA  
AGT TTA AGA AGT AAG GAA TGATAACGATCGTAACTGCA

enthält.

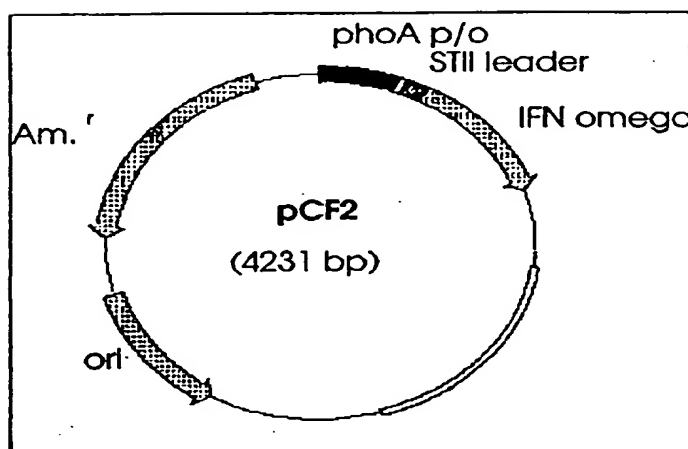
23. Verwendung des Vektors gemäß einem der Ansprüche 17 bis 22 zur Herstellung von Interferon- $\alpha$ .



## **Zusammenfassung**

Die Erfindung betrifft ein neues Herstellungsverfahren für rekombinantes IFN- $\alpha$ . Die Expression in *E. coli* erfolgt unter Kontrolle eines *phoA*-Promotors. Durch die Verknüpfung des IFN- $\alpha$ -Gens mit der STII-Signalsequenz wird die Sekretion des Proteins in den periplasmatischen Raum sowie ein korrekt prozessierter N-Terminus erreicht. Die Reinigung des Proteins erfolgt durch Adsorptionschromatographie auf Silicagel, hydrophobe Interaktionschromatographie, Kationen- sowie Anionenaustauschchromatographie.

A)



B)

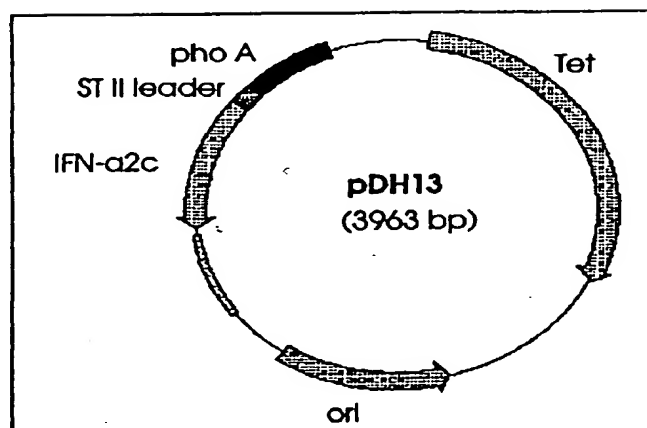
```

gaattggagattatcgctcactgcaatgcttcgcaatatggcgcaaaatgaaccaac 55
agcgggttgattgatcaggtagagggggcgctgtacgaggtaaagcccgatgccag 110
cattcctgacgacgatacggagctgctgcgcgattacgtaaagaagttattgaag 165
catcctcgtcagtaaaaagttaatcttttcaacagctgtcataaagttgtcacgg 220
ccgagacttatagtcgctttgtttttatttttttaatgtatttgctcgagaggttg 275
aggtgatttt  ATG AAA AAG AAT ATC GCA TTT CTT CTT GCA TCT 318
                M  K  K  N  I  A  F  L  L  A  S
ATG TTC GTT TTT TCT ATT GCT ACA AAT GCC TAT GCA TGT GAT 360
M  F  V  F  S  I  A  T  N  A  Y  A  C  D
CTG CCT CAG AAC CAT GGC CTA CTT AGC AGG AAC ACC TTG GTG 402
L  P  Q  N  H  G  L  L  S  R  N  T  L  V
CTT CTG CAC CAA ATG AGG AGA ATC TCC CCT TTC TTG TGT CTC 444
L  L  H  Q  M  R  R  I  S  P  F  L  C  L
AAG GAC AGA AGA GAC TTC AGG TTC CCC CAG GAG ATG GTA AAA 486
K  D  R  R  D  F  R  F  P  Q  E  M  V  K
GGG AGC CAG TTG CAG AAG GCC CAT GTC ATG TCT GTC CTC CAT 528
G  S  Q  L  Q  K  A  H  V  M  S  V  L  H
GAG ATG CTG CAG CAG ATC TTC AGC CTC TTC CAC ACA GAG CGC 570
E  M  L  Q  Q  I  F  S  L  F  H  T  E  R
TCC TCT GCT GCC TGG AAC ATG ACC CTC CTA GAC CAA CTC CAC 612
S  S  A  A  W  N  M  T  L  L  D  Q  L  H
ACT GGA CTT CAT CAG CAA CTG CAA CAC CTG GAG ACC TGC TTG 654
T  G  L  H  Q  Q  L  Q  H  L  E  T  C  L
CTG CAG GTA GTG GGA GAA GGA GAA TCT GCT GGG GCA ATT AGC 696
L  Q  V  V  G  E  G  E  S  A  G  A  I  S
AGC CCT GCA CTG ACC TTG AGG AGG TAC TTC CAG GGA ATC CGT 738
S  P  A  L  T  L  R  R  Y  F  Q  G  I  R
GTC TAC CTG AAA GAG AAG AAA TAC AGC GAC TGT GCC TGG GAA 780
V  Y  L  K  E  K  K  Y  S  D  C  A  W  E
GTT GTC AGA ATG GAA ATC ATG AAA TCC TTG TTC TTA TCA ACA 822
V  V  R  M  E  I  M  K  S  L  F  L  S  T
AAC ATG CAA GAA AGA CTG AGA AGT AAA GAT AGA GAC CTG GGC 864
N  M  Q  E  R  L  R  S  K  D  R  D  L  G
TCA TCT TGA aatgattctcattgattaatttgccatataacacttgcacatg 916
S  S  *
tgactctggtcaattcaaaagactcttattttcggttttaatcacagaattgactg 971
aattagttctgcaaataactttgtcggtatattaagccagtatatgttaaaaagac 1026
ttaggttcaggggcatcagtcacctaaagatgttatttttttactcatttattta 1081
ttcttacattttatcatattttatactattttatattctttatataacaaatgtttgc 1136
ctttacattgtattaagataacaaaacatgttcaggatcc 1176

```

Fig. 1

A)



B)

EcoRI

```

gaattcgagattatcgctcactgcaatgcttcgcaatatggcgcaaaatgaccaac 55
agcggttgattgât caggtagâgggggcgctgtacgaggtaaagcccgatgccag 110
cattcctgacgacgatacggagctgctgcgcgattacgtaaagaagttattgaag 165
catcctcgtcagtaaaaagttaatcttttcaacagctgtcataaagttgtcacgg 220
                                XhoI
ccgagacttatagtcgctttgtttttattttttaatgtatttgctcgagaggttg 275
                                STII Leader peptide ->
aggtgatttt  ATG AAA AAG AAT ATC GCA TTT CTT CTT GCA TCT 318
              M  K  K  N  I  A  F  L  L  A  S  11

                                IFNα2c ->
ATG TTC GTT TTT TCT ATT GCT ACA AAT GCC TAT GCA TGT GAT 360
M  F  V  F  S  I  A  T  N  A  Y  A  C  D  25
CTG CCT CAA ACC CAC AGC CTG GGT AGC AGG AGG ACC TTG ATG 402
L  P  Q  T  H  S  L  G  S  R  R  T  L  M  39
CTC CTG GCA CAG ATG AGG AGA ATC TCT CTT TTC TCC TGC TTG 444
L  L  A  Q  M  R  I  S  L  F  S  C  L  53
AAG GAC AGA CGT GAC TTT GGA TTT CCC CAG GAG GAG TTT GGC 486
K  D  R  R  D  F  G  F  P  Q  E  E  F  G  67
AAC CAG TTC CAA AAG GCT GAA ACC ATC CCT GTC CTC CAT GAG 528
N  Q  F  Q  K  A  E  T  I  P  V  L  H  E  81
ATG ATC CAG CAG ATC TTC AAT CTC TTC AGC ACA AAG GAC TCA 570
M  I  Q  Q  I  F  N  L  F  S  T  K  D  S  95
TCT GCT GCT TGG GAT GAG ACC CTC CTA GAC AAA TTC TAC ACT 612
S  A  A  W  D  E  T  L  L  D  K  F  Y  T  109
GAA CTC TAC CAG CAG CTG AAT GAC CTG GAA GCC TGT GTG ATA 654
E  L  Y  Q  Q  L  N  D  L  E  A  C  V  I  123
CAG GGG GTG GGG GTG ACA GAG ACT CCC CTG ATG AAG GAG GAC 696
Q  G  V  G  V  T  E  T  P  L  M  K  E  D  137
TCC ATT CTG GCT GTG AGG AAA TAC TTC CAA AGA ATC ACT CTC 738
S  I  L  A  V  R  K  Y  F  Q  R  I  T  L  151
TAT CTG AAA GAG AAG AAA TAC AGC CCT TGT GCC TGG GAG GTT 780
Y  L  K  E  K  K  Y  S  P  C  A  W  E  V  165
GTC AGA GCA GAA ATC ATG AGA TCT TTT TCT TTG TCA ACA AAC 822
V  R  A  E  I  M  R  S  F  S  L  S  T  N  179
                                PvuI      PstI
TTG CAA GAA AGT TTA AGA AGT AAG GAA tgataacgatcgtaactgc 868
L  Q  E  S  L  R  S  K  E  188
HindIII
agaagctt 876

```

Fig. 2

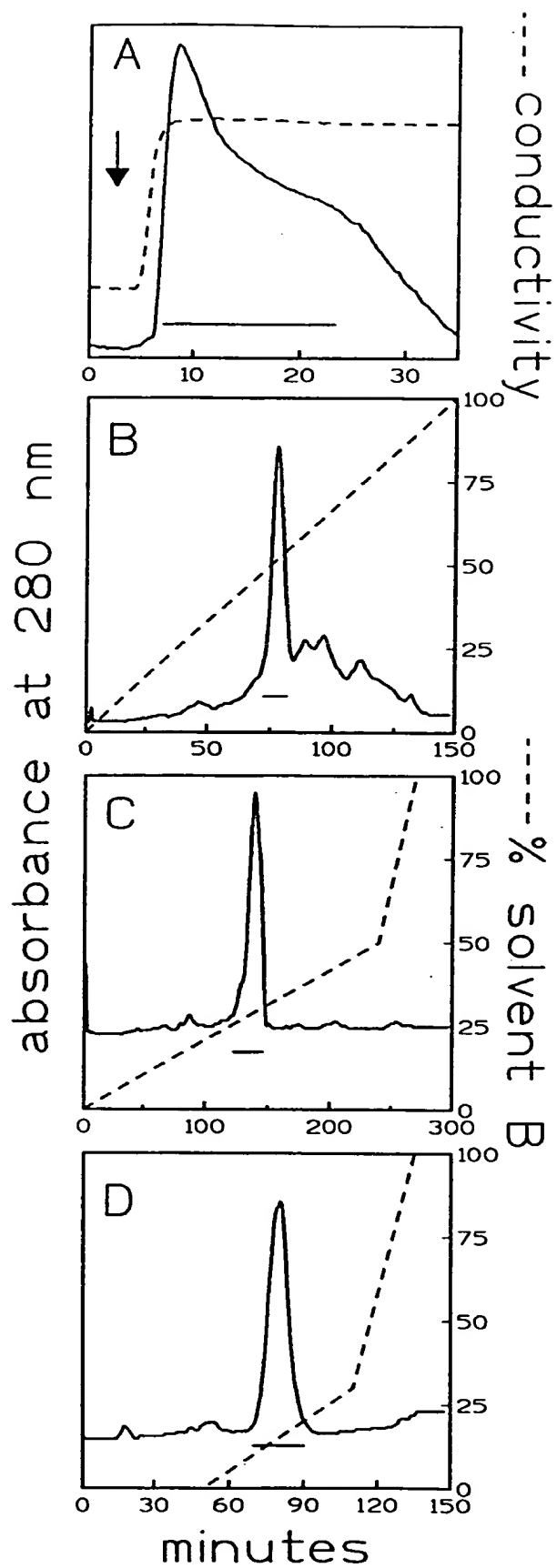
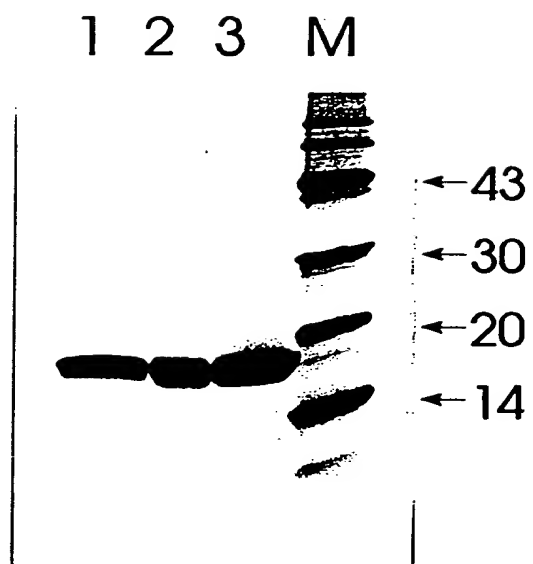


Fig. 3



**Fig. 4**

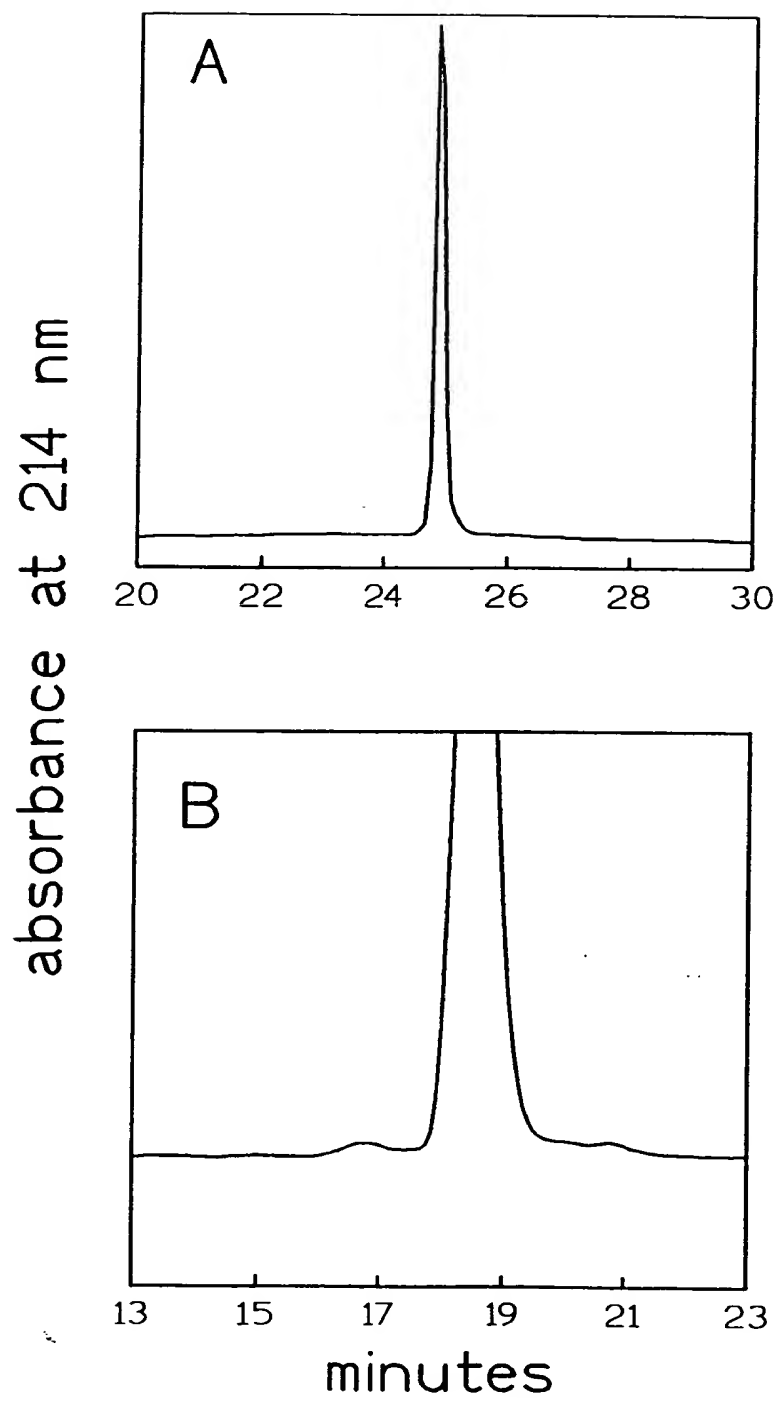


Fig. 5